

บทที่ 5

วิจารณ์ผลการทดลอง

จากการศึกษาลักษณะสัณฐานวิทยาภายนอกของแมลงบั่วทั้งหมด 16 กลุ่มประชากร แบ่งเป็น 2 กลุ่มประชากรที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือนกรมวิชาการเกษตร คือ จังหวัดเชียงราย และจังหวัดตาก และอีก 14 กลุ่มประชากรที่เก็บได้จากสภาพธรรมชาติ ได้แก่ อำเภอเชียงดาว อำเภอแม่แจ่ม อำเภอแม่วาง อำเภอเมือง อำเภอแม่ริม และอำเภอสันป่าตอง จังหวัดเชียงใหม่ จังหวัดเชียงราย จังหวัดลำพูน จังหวัดลำปาง จังหวัดแม่ฮ่องสอน จังหวัดน่าน จังหวัดแพร่ จังหวัดพะเยา และจังหวัดตาก พบว่าแมลงบั่วตัวเต็มวัยมีลักษณะภายนอกไม่แตกต่างกัน เช่นเดียวกับรายงานของ Behura *et al.* (2001) และ Ehtesham *et al.* (1995) มีความแตกต่างกัน เฉพาะในส่วนของคุณภาพลำตัว และพบว่าแมลงบั่วเพศเมียมีลำตัวสีส้มสดกว่า และลำตัวขนาดใหญ่กว่า แมลงบั่วเพศผู้ที่มีลักษณะสีของลำตัวซีดกว่า และมีขนาดลำตัวเล็กกว่า เช่นเดียวกับ การศึกษาของ Hidaka *et al.* (1974)

การศึกษาอัตราส่วนความยาวต่อความกว้างปีกของแมลงบั่วที่เก็บรวบรวมจากธรรมชาติ พบความหลากหลายทั้งภายในและระหว่างประชากรแมลงบั่วในลักษณะขนาดความกว้างและความยาวปีกของแมลงบั่วเพศเมีย โดยกลุ่มประชากรที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือน พบว่ามีค่าเฉลี่ย สัดส่วนความยาวต่อความกว้างปีกระหว่าง 2.6-2.7 และค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนอยู่ระหว่าง 1.24-2.36% ประชากรที่เก็บจากสภาพธรรมชาติ พบว่ามีค่าเฉลี่ยสัดส่วนความยาวต่อความกว้างปีก ระหว่าง 2.50-2.97 และค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนอยู่ระหว่าง 1.2-6.4 เปอร์เซ็นต์โดยประชากร ที่เก็บจากจังหวัดตาก มีความหลากหลายภายในประชากรสูงสุด สัมประสิทธิ์ความแปรปรวนเท่ากับ 6.41 เปอร์เซ็นต์ ในขณะที่อัตราส่วนความยาวต่อความกว้างปีกของแมลงบั่วเพศผู้ พบว่ามีค่าเฉลี่ยอยู่ใน ช่วง 2.4 -3.1 และค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนอยู่ระหว่าง 0-2.1 โดยประชากรจากอำเภอ แม่วาง จังหวัดเชียงใหม่ มีความหลากหลายภายในประชากรสูงสุด ค่าเฉลี่ยของประชากรแต่ละ ค่าทำให้ทราบถึงความหลากหลายภายในประชากร ส่วนค่าสัมประสิทธิ์ความแปรปรวนทำให้ทราบ ความหลากหลายระหว่างกลุ่มประชากร ซึ่งค่าที่มากแสดงถึงความหลากหลายของประชากรที่สูง ในการเก็บตัวอย่างแมลงบั่วจำนวนแมลงบั่วที่ได้ระหว่างเพศเมียและเพศผู้ พบว่าจะพบเพศเมีย มากกว่าเพศผู้ ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากการผสมพันธุ์ของแมลงบั่วเป็นลักษณะ monogeny หรือการให้ ลูกเพศใดเพศหนึ่งเท่านั้น และอัตราการวางไข่ของแมลงบั่วเพศเมียตัวที่ได้รับการผสมพันธุ์จะให้

ปริมาณไข่มากกว่าแมลงบั่วที่ไม่ได้รับการผสมพันธุ์จากแมลงบั่วเพศผู้ถึง 3 เท่า จึงเป็นไปได้ว่าการฟักไข่ของแมลงบั่วส่วนใหญ่ออกมาเป็นแมลงบั่วเพศเมีย (Sain and Kalode, 1988)

การศึกษาการกระจายตัวของแมลงบั่วในแต่ละพื้นที่ ได้นำข้อมูลของความยาว ความกว้าง ปีก และอัตราส่วนความยาวต่อความกว้างปีกแมลงบั่วมาศึกษาความสัมพันธ์ ระหว่างปัจจัยสภาพแวดล้อม ได้แก่ จำนวนสายพันธุ์ข้าวที่พบในบริเวณรัศมี 3 กิโลเมตร และความสูงจากระดับน้ำทะเลปานกลาง พบว่า 1) ความสัมพันธ์ระหว่างความยาวกับความกว้างปีกสามารถให้รูปแบบการกระจายตัวของแมลงบั่วจากแหล่งต่างๆ ออกเป็นหนึ่งกลุ่ม คือ ช่วงความยาวปีกอยู่ระหว่าง 3.5-3.9 และช่วงความกว้างปีกอยู่ระหว่าง 1.3-1.5 2) ความสัมพันธ์ระหว่างอัตราส่วนความยาวต่อความกว้างปีกกับจำนวนสายพันธุ์ของข้าวที่พบในรัศมี 3 กิโลเมตร สามารถให้รูปแบบการกระจายตัวของแมลงบั่วจากแหล่งต่างๆ เป็น 3 กลุ่ม ตามจำนวนของสายพันธุ์ข้าวที่พบ คือ กลุ่มที่ 1 พบ สายพันธุ์ข้าวจำนวน 1 ชนิด กลุ่มที่ 2 พบสายพันธุ์ข้าวจำนวน 2 ชนิด และกลุ่มที่ 3 พบสายพันธุ์ข้าวจำนวน 3 ชนิด ซึ่งข้าวที่พบ 1 ชนิดอาจเป็นชนิดใดก็ได้ในข้าวทั้ง 4 สายพันธุ์ที่พบจากการสำรวจ ดังนี้ คือ เหมยหนอง (เนื่องจากเป็นเหมยหนองของแต่ท้องถิ่น จึงไม่สามารถบอกได้ว่าเป็นเหมยหนอง 62 เอ็มของทางราชการ) สันป่าตอง 1 กข. 6 และ กข. 4 และ 3) ความสัมพันธ์ระหว่างอัตราส่วนความยาวต่อความกว้างปีกกับความสูงจากระดับน้ำทะเลปานกลางสามารถให้รูปแบบการกระจายตัวของแมลงบั่วจากแหล่งต่างๆ ออกเป็น 3 กลุ่มคือ กลุ่มที่ 1 คือ ความสูงจากระดับน้ำทะเล 620 เมตร คือ อำเภอเชียงดาว และอำเภอแม่แจ่ม จังหวัดเชียงใหม่ กลุ่มที่ 2 คือ ความสูงจากระดับน้ำทะเล 162-500 เมตร และกลุ่มที่ 3 คือ ความสูงจากระดับน้ำทะเลปานกลาง 1 เมตร คือแมลงบั่วที่เลี้ยงใน โรงเรือนกรมวิชาการเกษตร กรุงเทพมหานคร จากการศึกษาการกระจายตัวโดยดูความสัมพันธ์ดังกล่าวพบว่า แมลงบั่วจากสามารถกระจายตัวได้หลายรูปแบบขึ้นอยู่กับพืชอาหารและสภาพภูมิประเทศที่แตกต่างกันไป

เทคนิค AFLP เป็นเทคนิคที่ทำได้เร็วและใช้ปริมาณดีเอ็นเอเริ่มต้นจำนวนน้อย โดยอาศัยการเพิ่มปริมาณโดยวิธีพีซีอาร์จึงมีประสิทธิภาพสูง และในการทำปฏิกิริยาครั้งหนึ่งๆ สามารถตรวจสอบดีเอ็นเอได้หลายตำแหน่ง (multi locus) พร้อมกัน คือมี multiple ration สูง ในปฏิกิริยาหนึ่งจะให้แถบดีเอ็นเอมากกว่า RAPD ประมาณ 4 เท่า ข้อดีของเทคนิคนี้ อย่างเช่น ปฏิกิริยาหนึ่งๆ เกิดแถบดีเอ็นเอจำนวนมาก และมีขนาดใกล้เคียงกัน บางครั้งแถบดีเอ็นเอที่มีขนาดเท่ากัน อาจมาจากชิ้นดีเอ็นเอคนละตำแหน่ง ทำให้การวิเคราะห์ผลผิดพลาดได้ (สุรินทร์ 2545) มีการนำเทคนิคนี้มาศึกษาความหลากหลายของแมลง Garcia *et al.* (2002) ได้ศึกษาโครงสร้างประชากรและความหลากหลายของกลุ่มประชากรปลวก *Nasutitermes takasagoensis* อันดับ Isoptera วงศ์ Termitidae จาก 7 เกาะ ในประเทศญี่ปุ่น ด้วยเทคนิค AFLP โดยใช้ไพรเมอร์จำนวน 3 คู่ ได้จำนวนแถบดีเอ็นเอทั้งหมด 155 แถบ และมีเปอร์เซ็นต์ Polymorphic band เท่ากับ 50 เปอร์เซ็นต์ สามารถ

นำมาศึกษาค่าระยะห่างทางพันธุกรรม (genetic distance) และค่าความหลากหลายระหว่างกลุ่มประชากร (*Gst*) ได้พบว่าค่าที่ได้มีความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมสูงและค่าความหลากหลายระหว่างกลุ่มประชากรต่ำ จึงได้สันนิษฐานว่าอาจเป็นไปได้ 2 ประการ คือ 1) ปลวกสามารถบินได้ไกลหลายกิโลเมตร และ 2) ต้นกำเนิดของปลวกอาจเป็นพื้นที่เดียวกันและต่อมาแผ่ดินได้แยกออกเป็นพื้นที่เกาะ จึงทำให้กลุ่มประชากรของปลวกยังคงมีความใกล้ชิดกัน Takami *et al.* (2004) ได้ศึกษาความหลากหลายและโครงสร้างของกลุ่มประชากรผีเสื้อ *Pieris sp.* ที่อยู่ในแหล่งชุมชน โดยอาศัยเทคนิค AFLP พบว่าความหลากหลายของแมลงได้ลดลง แต่ยังคงมีการกระจายตัวทางพันธุกรรมที่แตกต่างกันในแต่ละประชากร ความแตกต่างนี้ชี้ให้เห็นถึงความสามารถในการปรับตัวและการกระจายตัวของแมลงดังกล่าวตอบสนอง ซึ่งสันนิษฐานว่าการกระจายตัวของแมลงเกี่ยวข้องกับลักษณะทางภูมิประเทศ และขึ้นอยู่กับฤดูกาลที่แมลงซึ่งมีผลต่อการเปลี่ยนแปลงในองค์ประกอบของสารพันธุกรรม Cervera *et al.* (2000) ได้ศึกษาความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมระหว่างไบโอไทพ์ของ *Bemisia tabaci* อันดับ Hemiptera วงศ์ Aleyrodidae ด้วยเทคนิค AFLP จาก 13 ตัวอย่าง และสามารถจัดกลุ่มได้เป็น 4 กลุ่ม ตามลักษณะของพื้นที่และตัวอย่างของพืช ได้แก่ กลุ่มที่ 1 แมลงหวีขาวยาสูบจากประเทศทางตะวันออกและอินเดีย กลุ่มที่ 2 คือแมลงหวีขาวยาสูบจากประเทศไนจีเรียจากพืชอาศัยคือ ถั่วแดง กลุ่มที่ 3 แมลงหวีขาวยาสูบจากทวีปอเมริกา และกลุ่มที่ 4 คือแมลงหวีขาวยาสูบจากประเทศไนจีเรียจากพืชอาศัยคือ มันสำปะหลัง

จึงได้นำเทคนิคดังกล่าวมาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของแมลงบัวโดยใช้ไพรเมอร์ 14 คู่ พบว่า มีคู่ไพรเมอร์ *PstI/MseI* 6 คู่ ที่สามารถให้แถบดีเอ็นเอที่ชัดเจนมีขนาดตั้งแต่ 124- 620 คู่เบส โดยคู่ไพรเมอร์ P-GGT/M-CGT ให้ผล polymorphic fragments สูงสุดประมาณ 55 เบียร์เซ็นต์ ขณะที่คู่ไพรเมอร์ P-GGT/M-CCA ให้ผล polymorphic fragments ต่ำสุดประมาณ 29.2 เบียร์เซ็นต์ และสามารถให้ดีเอ็นเอจำเพาะต่อแมลงบัวแหล่งต่างๆ ได้ เมื่อนำแถบดีเอ็นเอที่ได้มาวิเคราะห์ค่าระยะห่างระหว่างพันธุกรรม (genetic distances) ของแมลงบัวจากแหล่งต่างๆ อยู่ในช่วง 0.09-0.48 และค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายกัน (similarity coefficients) อยู่ในช่วง 0.77-0.99 เมื่อนำมาจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA พบว่า สามารถจัดกลุ่มประชากรแมลงบัวได้เป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยแมลงบัวจากจังหวัดเชียงราย และจังหวัดอุบลราชธานี ที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือน กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยแมลงบัวจากจังหวัดตาก ที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือน และกลุ่มที่ 3 ประกอบด้วย แมลงบัวจากจังหวัดเชียงใหม่ จังหวัดเชียงราย จังหวัดลำปาง จังหวัดลำพูน จังหวัดแม่ฮ่องสอน จังหวัดน่าน จังหวัดแพร่ จังหวัดพะเยา และจังหวัดตากที่เก็บจากสภาพธรรมชาติ

เทคนิค RAPD เป็นเทคนิคที่ทำได้ง่าย ได้ผลอย่างรวดเร็ว ตลอดจนไม่จำเป็นต้องทราบการเรียงลำดับเบสดีเอ็นเอของสิ่งมีชีวิตที่จะนำมาศึกษา และไม่จำเป็นต้องตัดด้วยเอนไซม์ตัดจำเพาะ แต่

ข้อจำกัดของวิธีนี้คือความไวในการตรวจหา และสภาวะที่เหมาะสมในการทำปฏิกิริยาและการแยก electrophoresis ซึ่งอาจจะไม่แน่นอน แปรผันตามการทดลองแต่ละครั้ง หรือห้องปฏิบัติการ ทำให้แปลผลได้ยาก แต่ก็ขึ้นอยู่กับ การปรับ reaction ของการทดลองนั้นๆ (สุรศักดิ์, 2540) จึงได้มีการนำเทคนิคนี้มาศึกษาความสัมพันธ์ของแมลง Thongphak *et al.* (1997) ใช้เทคนิค RAPD-PCR มาศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของแมลงบั่ว และสามารถแบ่งแมลงบั่วออกเป็น 3 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยแมลงบั่วจากจังหวัดน่าน จังหวัดแพร่ จังหวัดพะเยา จังหวัดลำปาง จังหวัดฉะเชิงเทรา จังหวัดเชียงราย จังหวัดเชียงใหม่ จังหวัดกำแพงเพชร และจังหวัดพิจิตร กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยแมลงบั่วจากจังหวัดนครพนม จังหวัดอุบลราชธานี และจังหวัดพัทลุง และกลุ่มที่ 3 ประกอบด้วยแมลงบั่วจากจังหวัดอุดรธานี และจังหวัดหนองคาย Thongphak (1997) ใช้เทคนิค RAPD ศึกษาความหลากหลายทางพันธุกรรมของแมลงบั่ว และสามารถแบ่งแมลงบั่วออกเป็น 4 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยแมลงบั่วจากจังหวัดน่าน จังหวัดแพร่ และจังหวัดเชียงราย กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยแมลงบั่วจากจังหวัดเชียงใหม่ จังหวัดลำปาง จังหวัดพะเยา จังหวัดอุดรธานี จังหวัดหนองคาย จังหวัดอุบลราชธานี และจังหวัดกำแพงเพชร กลุ่มที่ 3 ประกอบด้วยแมลงบั่วจากจังหวัดนครพนม และกลุ่มที่ 4 ประกอบด้วยแมลงบั่วจากจังหวัดฉะเชิงเทรา

จึงได้นำเทคนิคดังกล่าวมาวิเคราะห์ความหลากหลายทางพันธุกรรมของแมลงบั่ว โดยใช้ไพรเมอร์ 10 ไพรเมอร์ พบว่ามี 6 ไพรเมอร์ที่สามารถให้แถบดีเอ็นเอที่ชัดเจน พบว่า ไพรเมอร์ OPA-02 สามารถให้แถบดีเอ็นเอจำเพาะต่อแมลงบั่วจากจังหวัดแพร่ น้ำหนักโมเลกุลประมาณ 200 คู่เบส ไพรเมอร์ OPD-11 สามารถให้แถบดีเอ็นเอจำเพาะเจาะจงต่อแมลงบั่วจากอำเภอเชียงดาว จังหวัดเชียงใหม่ น้ำหนักโมเลกุลประมาณ 700 คู่เบส และ OPT-17 สามารถให้แถบดีเอ็นเอจำเพาะเจาะจงต่อแมลงบั่วจากอำเภอแม่แจ่ม จังหวัดเชียงใหม่ เมื่อนำแถบดีเอ็นเอที่ได้มาวิเคราะห์ค่าระยะห่างระหว่างพันธุกรรม (genetic distances) อยู่ในช่วง 0.17-0.65 และค่าสัมประสิทธิ์ความคล้ายกัน (similarity coefficients) อยู่ในช่วง 0-0.94 เมื่อนำมาจัดกลุ่มด้วยวิธี UPGMA พบว่าสามารถจัดกลุ่มแมลงบั่วออกได้เป็น 2 กลุ่ม คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยแมลงบั่วจากจังหวัดเชียงราย ที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือน อำเภอแม่วาง และอำเภอแม่แจ่ม จังหวัดเชียงใหม่ กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยแมลงบั่วจากจังหวัดตาก และจังหวัดอุบลราชธานีที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือน จังหวัดลำปาง จังหวัดเชียงราย อำเภอเมือง อำเภอแม่ริม อำเภอสันป่าตอง อำเภอเชียงดาว จังหวัดเชียงใหม่ จังหวัดตาก จังหวัดพะเยา จังหวัดน่าน จังหวัดลำพูน จังหวัดแม่ฮ่องสอน และจังหวัดแพร่ ที่เก็บได้จากสภาพธรรมชาติ จะเห็นได้ว่าเทคนิคทางพันธุวิศวกรรมทั้ง 2 เทคนิคสามารถนำไปวิเคราะห์ความหลากหลายและความสัมพันธ์ทางพันธุกรรมของแมลงได้ ซึ่งแต่ละวิธีก็มีทั้งข้อดีและข้อเสียที่แตกต่างกันไป จึงขึ้นอยู่กับวัตถุประสงค์ของการทดลองนั้นๆว่าจะเลือกใช้วิธีการหรือเทคนิคใดในการตรวจสอบ

ในการศึกษาความหลากหลายของแมลงบัว โดยอาศัยความสัมพันธ์ระหว่างแมลงบัวและปัจจัยสภาพแวดล้อมอื่นๆ ช่วยในการศึกษาการกระจายตัวของแมลงได้แก่ 1) ความสัมพันธ์ระหว่างความยาวกับความกว้างปีก 2) อัตราส่วนระหว่างความยาวต่อความกว้างปีกกับจำนวนชนิดของพืชอาหาร และ 3) อัตราส่วนระหว่างความยาวต่อความกว้างปีกกับความสูงจากระดับน้ำทะเลปานกลาง ทำให้ได้การกระจายตัวที่หลากหลายรูปแบบขึ้นอยู่กับปัจจัยที่นำมาศึกษาความสัมพันธ์เมื่อนำเทคนิคทางพันธุวิศวกรรมมาช่วยในการวิเคราะห์ คือเทคนิค AFLP และ RAPD พบว่าเทคนิค AFLP สามารถให้ผลการทดลองที่สอดคล้องกับการกระจายตัวของแมลงบัวที่สัมพันธ์กับสภาพทางภูมิประเทศคือ ความสูงจากระดับน้ำทะเลปานกลางและพืชอาหาร และสามารถแบ่งกลุ่มแมลงออกเป็น 6 กลุ่ม ที่โดยวิธี UPGMA คือ กลุ่มที่ 1 ประกอบด้วยแมลงบัวจากอำเภอเชียงดาว จังหวัดเชียงใหม่ กลุ่มที่ 2 ประกอบด้วยแมลงบัวจากอำเภอแม่วาง จังหวัดเชียงใหม่ กลุ่มที่ 3 ประกอบด้วยแมลงบัวจากจังหวัดตาก กลุ่มที่ 4 ประกอบด้วยแมลงบัวจากอำเภอเมือง อำเภอแมริม และอำเภอสันป่าตอง จังหวัดเชียงใหม่ จังหวัดเชียงราย จังหวัดลำปาง จังหวัดลำพูน จังหวัดแม่ฮ่องสอน จังหวัดแพร่ และจังหวัดพะเยา กลุ่มที่ 5 ประกอบด้วยแมลงบัวจากอำเภอแม่แจ่ม จังหวัดเชียงใหม่ และจังหวัดน่าน และกลุ่มที่ 6 ประกอบด้วยแมลงบัวที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือน ค่า Genetic distance ที่ได้อยู่ในช่วง 0.09-0.48 และสามารถแยกประชากรแมลงบัวที่เลี้ยงในโรงเรือนออกจากแมลงบัวที่ได้เก็บได้จากสภาพธรรมชาติ ทั้งๆ ที่มาจากจังหวัดเดียวกัน และสามารถให้แถบดีเอ็นเอที่จำเพาะเจาะจงต่อแมลงบัว ที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือนออกจากแมลงบัวที่เก็บจากสภาพธรรมชาติ คือคู่ไพรเมอร์ P-GGT/MCGA ที่น้ำหนัก โมเลกุล 265 คู่เบส ทั้งนี้อาจเนื่องมาจากกลไกทางสภาพภูมิประเทศที่ก่อให้เกิดการกำจัดบางอัลลีลออกไป ทำให้แมลงบัวที่ได้จากการเลี้ยงในโรงเรือน และแมลงบัวที่เก็บจากสภาพธรรมชาติดีลักษณะแตกต่างกันทางพันธุกรรม รวมถึงปัจจัยภายนอก ได้แก่ สภาพแวดล้อม สภาพภูมิอากาศ รวมทั้งพืชอาศัย คือ พันธุ์ข้าว ซึ่งน่าจะเป็นปัจจัยสำคัญที่ก่อให้เกิดการระบาดรุนแรงต่างกันในแต่ละพื้นที่ จากรายงานของ Supamongkol *et al.* (2005) รายงานว่า ข้าวสายพันธุ์เหมยนองที่มีการปลูกในเขตพื้นที่ภาคเหนือ ในแต่ละพื้นที่ที่มีความหลากหลายค่อนข้างมาก ทั้งทางลักษณะถิ่นฐานวิทยาและลักษณะทางพันธุกรรมอีกทั้งจากรายงานของ Oupkeaw *et al.* (2005) ทดสอบการทำลายของแมลงบัวกับสายพันธุ์ข้าวที่แตกต่างกัน ปลูกในพื้นที่เดียวกัน แต่คนละปี พบการเข้าทำลายของแมลงบัวรุนแรงไม่เท่ากันในแต่ละปี ซึ่งเห็นได้ชัดว่าปัจจัยอื่น ได้แก่ สายพันธุ์ข้าว และสภาพภูมิอากาศในแต่ละปี รวมทั้งการจัดการของเกษตรกรในเรื่องของการใช้สารเคมีก่อให้เกิดการระบาดของแมลงบัวที่แตกต่างกัน